SEQUENCE LISTING

<110> FOSTER, Timothy

<120> POLYPEPTIDES AND POLYNUCLEOTIDES FROM COAGULASE-NEGATIVE STAPHYLOCOCCI

<130> P06335US03/BAS

<140> 10/615,383
<141> 2003-07-09

<150> 09/386,962
<151> 1999-08-31

<150> 60/098,443
<151> 1998-08-31

<150> 60/117,119
<151> 1999-01-25

<160> 40

<170> PatentIn version 3.1

<210> 1
<211> 5406
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(5406)
<223>

<400> 1
tat tgg ata aat tat gct tat aaa gta ttt aca taa aaa tgt aaa tgc   48
Tyr Trp Ile Asn Tyr Ala Tyr Lys Val Phe Thr   Lys Cys Lys Cys
1   5   10   15

aat tta caa gta aat att caa att att tcc ttg taa aat att tat ttt   96
Asn Leu Gln Val Asn Ile Gln Ile Ile Ser Leu   Asn Ile Tyr Phe
                20   25   30

aac tgg agg tat agt atg aaa aag aga aga caa gga cca att aac aag   144
Asn Trp Arg Tyr Ser Met Lys Lys Arg Arg Gln Gly Pro Ile Asn Lys
            35   40   45

aga gtg gat ttt cta tcc aac aag gta aac aag tac tcg att agg aag   192
Arg Val Asp Phe Leu Ser Asn Lys Val Asn Lys Tyr Ser Ile Arg Lys
        50   55   60

ttc aca gta ggt aca gct tca ata ctc gtg ggt gct acg tta atg ttt   240
Phe Thr Val Gly Thr Ala Ser Ile Leu Val Gly Ala Thr Leu Met Phe
            65   70   75

```
ggt gcc gca gac aat gag gct aaa gcg gct gaa gac aat caa tta gaa      288
Gly Ala Ala Asp Asn Glu Ala Lys Ala Ala Glu Asp Asn Gln Leu Glu
    80                  85                  90

tca gct tca aaa gaa gaa cag aaa ggt agt cgt gat aat gaa aac tca      336
Ser Ala Ser Lys Glu Glu Gln Lys Gly Ser Arg Asp Asn Glu Asn Ser
95                  100                 105                 110

aaa ctt aat caa gtc gat tta gac aac gga tca cat agt tct gag aaa      384
Lys Leu Asn Gln Val Asp Leu Asp Asn Gly Ser His Ser Ser Glu Lys
                115                 120                 125

aca aca aat gta aac aat gca act gaa gta aaa aaa gtt gaa gca cca      432
Thr Thr Asn Val Asn Asn Ala Thr Glu Val Lys Lys Val Glu Ala Pro
                130                 135                 140

acg aca agt gac gta tct aag cct aaa gct aat gaa gca gta gtg acg      480
Thr Thr Ser Asp Val Ser Lys Pro Lys Ala Asn Glu Ala Val Val Thr
            145                 150                 155

aat gag tca act aaa cca aaa aca aca gaa gca cca act gtt aat gag      528
Asn Glu Ser Thr Lys Pro Lys Thr Thr Glu Ala Pro Thr Val Asn Glu
    160                 165                 170

gaa tca ata gct gaa aca ccc aaa acc tca act aca caa caa gat tcg      576
Glu Ser Ile Ala Glu Thr Pro Lys Thr Ser Thr Thr Gln Gln Asp Ser
175                 180                 185                 190

act gag aag aat aat cca tct tta aaa gat aat tta aat tca tcc tca      624
Thr Glu Lys Asn Asn Pro Ser Leu Lys Asp Asn Leu Asn Ser Ser Ser
                195                 200                 205

acg aca tct aaa gaa agt aaa aca gac gaa cat tct act aag caa gct      672
Thr Thr Ser Lys Glu Ser Lys Thr Asp Glu His Ser Thr Lys Gln Ala
            210                 215                 220

caa atg tct act aat aaa tca aat tta gac aca aat gac tct cca act      720
Gln Met Ser Thr Asn Lys Ser Asn Leu Asp Thr Asn Asp Ser Pro Thr
        225                 230                 235

caa agt gag aaa act tca tca caa gca aat aac gac agt aca gat aat      768
Gln Ser Glu Lys Thr Ser Ser Gln Ala Asn Asn Asp Ser Thr Asp Asn
        240                 245                 250

cag tca gca cct tct aaa caa tta gat tca aaa cca tca gaa caa aaa      816
Gln Ser Ala Pro Ser Lys Gln Leu Asp Ser Lys Pro Ser Glu Gln Lys
255                 260                 265                 270

gta tat aaa aca aaa ttt aat gat gaa cct act caa gat gtt gaa cac      864
Val Tyr Lys Thr Lys Phe Asn Asp Glu Pro Thr Gln Asp Val Glu His
                275                 280                 285

acg aca act aaa tta aaa aca cct tct gtt tca aca gat agt tca gtc      912
Thr Thr Thr Lys Leu Lys Thr Pro Ser Val Ser Thr Asp Ser Ser Val
                290                 295                 300

aat gat aag caa gat tac aca cga agt gct gta gct agt tta ggt gtt      960
```

```
          Asn Asp Lys Gln Asp Tyr Thr Arg Ser Ala Val Ala Ser Leu Gly Val
              305                 310                 315

          gat tct aat gaa aca gaa gca att aca aat gca gtt aga gac aat tta     1008
          Asp Ser Asn Glu Thr Glu Ala Ile Thr Asn Ala Val Arg Asp Asn Leu
              320                 325                 330

          gat tta aaa gct gca tct aga gaa caa atc aat gaa gca atc att gct     1056
          Asp Leu Lys Ala Ala Ser Arg Glu Gln Ile Asn Glu Ala Ile Ile Ala
          335                 340                 345                 350

          gaa gca cta aaa aaa gac ttt tct aac cct gat tat ggt gtc gat acg     1104
          Glu Ala Leu Lys Lys Asp Phe Ser Asn Pro Asp Tyr Gly Val Asp Thr
                          355                 360                 365

          cca tta gct cta aac aga tct caa tca aaa aat tca cca cat aag agt     1152
          Pro Leu Ala Leu Asn Arg Ser Gln Ser Lys Asn Ser Pro His Lys Ser
                      370                 375                 380

          gca agt cca cgc atg aat tta atg agt tta gct gct gag cct aat agt     1200
          Ala Ser Pro Arg Met Asn Leu Met Ser Leu Ala Ala Glu Pro Asn Ser
                  385                 390                 395

          ggt aaa aat gtg aat gat aaa gtt aaa atc aca aac cct acg ctt tca     1248
          Gly Lys Asn Val Asn Asp Lys Val Lys Ile Thr Asn Pro Thr Leu Ser
              400                 405                 410

          ctt aat aag agt aat aat cac gct aat aac gta ata tgg cca aca agt     1296
          Leu Asn Lys Ser Asn Asn His Ala Asn Asn Val Ile Trp Pro Thr Ser
          415                 420                 425                 430

          aac gaa caa ttt aat tta aaa gca aat tat gaa tta gat gac agc ata     1344
          Asn Glu Gln Phe Asn Leu Lys Ala Asn Tyr Glu Leu Asp Asp Ser Ile
                          435                 440                 445

          aaa gag gga gat act ttt act att aag tat ggt cag tat att aga ccg     1392
          Lys Glu Gly Asp Thr Phe Thr Ile Lys Tyr Gly Gln Tyr Ile Arg Pro
                          450                 455                 460

          ggt ggt tta gaa ctt cct gca ata aaa act caa cta cgt agt aag gat     1440
          Gly Gly Leu Glu Leu Pro Ala Ile Lys Thr Gln Leu Arg Ser Lys Asp
                      465                 470                 475

          ggc tct att gta gct aat ggt gta tat gat aaa act aca aat acg acg     1488
          Gly Ser Ile Val Ala Asn Gly Val Tyr Asp Lys Thr Thr Asn Thr Thr
                      480                 485                 490

          act tat aca ttt act aac tat gtt gat caa tat caa aat att aca ggt     1536
          Thr Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Val Asp Gln Tyr Gln Asn Ile Thr Gly
          495                 500                 505                 510

          agt ttt gat tta att gcg acg cct aag agg gaa aca gca att aag gat     1584
          Ser Phe Asp Leu Ile Ala Thr Pro Lys Arg Glu Thr Ala Ile Lys Asp
                          515                 520                 525

          aat cag aat tat cct atg gaa gtg acg att gct aac gaa gta gtc aaa     1632
          Asn Gln Asn Tyr Pro Met Glu Val Thr Ile Ala Asn Glu Val Val Lys
```

```
                    530                     535                          540

aaa gac ttc att gtg gat tat ggt aat aaa aag gac aat aca act aca        1680
Lys Asp Phe Ile Val Asp Tyr Gly Asn Lys Lys Asp Asn Thr Thr Thr
        545                     550                          555

gca gcg gta gca aat gtg gat aat gta aat aat aaa cat aac gaa gtt        1728
Ala Ala Val Ala Asn Val Asp Asn Val Asn Asn Lys His Asn Glu Val
        560                     565                          570

gtt tat cta aac caa aat aac caa aac cct aaa tat gct aaa tat ttc        1776
Val Tyr Leu Asn Gln Asn Asn Gln Asn Pro Lys Tyr Ala Lys Tyr Phe
575                     580                          585          590

tca aca gta aaa aat ggt gaa ttt ata cca ggt gaa gtg aaa gtt tac        1824
Ser Thr Val Lys Asn Gly Glu Phe Ile Pro Gly Glu Val Lys Val Tyr
                595                     600                          605

gaa gtg acg gat acc aat gcg atg gta gat agc ttc aat cct gat tta        1872
Glu Val Thr Asp Thr Asn Ala Met Val Asp Ser Phe Asn Pro Asp Leu
                610                     615                          620

aat agt tct aat gta aaa gat gtg aca agt caa ttt gca cct aaa gta        1920
Asn Ser Ser Asn Val Lys Asp Val Thr Ser Gln Phe Ala Pro Lys Val
                625                     630                          635

agt gca gat ggt act aga gtt gat atc aat ttt gct aga agt atg gca        1968
Ser Ala Asp Gly Thr Arg Val Asp Ile Asn Phe Ala Arg Ser Met Ala
        640                     645                          650

aat ggt aaa aag tat att gta act caa gca gtg aga cca acg gga act        2016
Asn Gly Lys Lys Tyr Ile Val Thr Gln Ala Val Arg Pro Thr Gly Thr
655                     660                          665                670

gga aat gtt tat acc gaa tat tgg tta aca aga gat ggt act acc aat        2064
Gly Asn Val Tyr Thr Glu Tyr Trp Leu Thr Arg Asp Gly Thr Thr Asn
                675                     680                          685

aca aat gat ttt tac cgt gga acg aag tct aca acg gtg act tat ctc        2112
Thr Asn Asp Phe Tyr Arg Gly Thr Lys Ser Thr Thr Val Thr Tyr Leu
                690                     695                          700

aat ggt tct tca aca gca cag ggg gat aat cct aca tat agt cta ggt        2160
Asn Gly Ser Ser Thr Ala Gln Gly Asp Asn Pro Thr Tyr Ser Leu Gly
                705                     710                          715

gac tat gta tgg tta gat aaa aat aaa aac ggt gtt caa gat gat gat        2208
Asp Tyr Val Trp Leu Asp Lys Asn Lys Asn Gly Val Gln Asp Asp Asp
        720                     725                          730

gag aaa ggt tta gca ggt gtt tat gtt act ctt aaa gac agt aac aat        2256
Glu Lys Gly Leu Ala Gly Val Tyr Val Thr Leu Lys Asp Ser Asn Asn
735                     740                          745                750

aga gaa tta caa cgt gta act act gat caa tct gga cat tat caa ttt        2304
Arg Glu Leu Gln Arg Val Thr Thr Asp Gln Ser Gly His Tyr Gln Phe
                755                     760                          765
```

```
gat aat tta caa aat gga acg tac aca gtc gag ttt gcg att cct gat        2352
Asp Asn Leu Gln Asn Gly Thr Tyr Thr Val Glu Phe Ala Ile Pro Asp
            770                 775                 780

aat tat acg cca tct ccc gca aat aat tct aca aat gat gca ata gat        2400
Asn Tyr Thr Pro Ser Pro Ala Asn Asn Ser Thr Asn Asp Ala Ile Asp
            785                 790                 795

tca gat ggt gaa cgt gat ggt aca cgt aaa gta gtt gtt gcc aaa gga        2448
Ser Asp Gly Glu Arg Asp Gly Thr Arg Lys Val Val Val Ala Lys Gly
            800                 805                 810

aca att aat aat gct gat aat atg act gta gat act ggc ttt tat tta        2496
Thr Ile Asn Asn Ala Asp Asn Met Thr Val Asp Thr Gly Phe Tyr Leu
815                 820                 825                 830

act cct aaa tac aat gtc gga gat tat gta tgg gaa gat aca aat aaa        2544
Thr Pro Lys Tyr Asn Val Gly Asp Tyr Val Trp Glu Asp Thr Asn Lys
            835                 840                 845

gat ggt atc caa gat gac aat gaa aaa gga att tct ggt gtt aaa gta        2592
Asp Gly Ile Gln Asp Asp Asn Glu Lys Gly Ile Ser Gly Val Lys Val
            850                 855                 860

acg tta aaa aat aaa aat gga gat act att ggc aca acg aca aca gat        2640
Thr Leu Lys Asn Lys Asn Gly Asp Thr Ile Gly Thr Thr Thr Thr Asp
            865                 870                 875

tca aat ggt aaa tat gaa ttc aca ggt tta gag aac ggg gat tac aca        2688
Ser Asn Gly Lys Tyr Glu Phe Thr Gly Leu Glu Asn Gly Asp Tyr Thr
            880                 885                 890

ata gaa ttt gag acg ccg gaa ggc tac aca ccg act aaa caa aac tcg        2736
Ile Glu Phe Glu Thr Pro Glu Gly Tyr Thr Pro Thr Lys Gln Asn Ser
895                 900                 905                 910

gga agt gac gaa ggt aaa gat tca aac ggt acg aaa aca aca gtc aca        2784
Gly Ser Asp Glu Gly Lys Asp Ser Asn Gly Thr Lys Thr Thr Val Thr
            915                 920                 925

gtc aaa gat gca gat aat aaa aca ata gac tca ggt ttc tac aag cca        2832
Val Lys Asp Ala Asp Asn Lys Thr Ile Asp Ser Gly Phe Tyr Lys Pro
            930                 935                 940

aca tat aac tta ggt gac tat gta tgg gaa gat aca aat aaa gat ggt        2880
Thr Tyr Asn Leu Gly Asp Tyr Val Trp Glu Asp Thr Asn Lys Asp Gly
            945                 950                 955

att caa gac gac agt gaa aaa ggg att tct ggg gtt aaa gtg acg tta        2928
Ile Gln Asp Asp Ser Glu Lys Gly Ile Ser Gly Val Lys Val Thr Leu
            960                 965                 970

aaa gat aaa aat gga aat gcc att ggg aca acg aca aca gac gca agt        2976
Lys Asp Lys Asn Gly Asn Ala Ile Gly Thr Thr Thr Thr Asp Ala Ser
975                 980                 985                 990
```

```
ggt cat tat caa ttt aaa gga tta gaa aat  gga agc tac aca gtt  gag    3024
Gly His Tyr Gln Phe Lys Gly Leu Glu Asn  Gly Ser Tyr Thr Val  Glu
                995                  1000                 1005

ttt gag aca cca  tca ggt tat aca ccg  aca aaa gcg aat tca  ggt        3069
Phe Glu Thr Pro  Ser Gly Tyr Thr Pro  Thr Lys Ala Asn Ser  Gly
            1010                1015                 1020

caa gat ata act  gta gat tcc aac ggt  ata aca aca aca ggt  atc        3114
Gln Asp Ile Thr  Val Asp Ser Asn Gly  Ile Thr Thr Thr Gly  Ile
            1025                1030                 1035

att aac gga gct  gat aat ctc aca att  gat agt ggt ttc tac  aaa        3159
Ile Asn Gly Ala  Asp Asn Leu Thr Ile  Asp Ser Gly Phe Tyr  Lys
            1040                1045                 1050

aca cca aaa tat  agt gtc gga gat tat  gta tgg gaa gat aca  aat        3204
Thr Pro Lys Tyr  Ser Val Gly Asp Tyr  Val Trp Glu Asp Thr  Asn
            1055                1060                 1065

aaa gat ggt atc  caa gat gac aat gaa  aag gga att tct ggt  gtt        3249
Lys Asp Gly Ile  Gln Asp Asp Asn Glu  Lys Gly Ile Ser Gly  Val
            1070                1075                 1080

aaa gta acg tta  aag gat gaa aaa gga  aat ata att agc act  aca        3294
Lys Val Thr Leu  Lys Asp Glu Lys Gly  Asn Ile Ile Ser Thr  Thr
            1085                1090                 1095

aca act gat gaa  aat ggg aag tat caa  ttt gat aat tta gat  agt        3339
Thr Thr Asp Glu  Asn Gly Lys Tyr Gln  Phe Asp Asn Leu Asp  Ser
            1100                1105                 1110

ggt aat tac att  att cat ttt gag aaa  ccg gaa ggc atg act  caa        3384
Gly Asn Tyr Ile  Ile His Phe Glu Lys  Pro Glu Gly Met Thr  Gln
            1115                1120                 1125

act aca gca aat  tct gga aat gat gat  gaa aaa gat gct gat  ggg        3429
Thr Thr Ala Asn  Ser Gly Asn Asp Asp  Glu Lys Asp Ala Asp  Gly
            1130                1135                 1140

gaa gat gtt cgt  gtt acg att act gat  cat gat gac ttt agt  ata        3474
Glu Asp Val Arg  Val Thr Ile Thr Asp  His Asp Asp Phe Ser  Ile
            1145                1150                 1155

gat aat ggt tat  ttt gac gat gat tca  gac agt gac tca gac  gca        3519
Asp Asn Gly Tyr  Phe Asp Asp Asp Ser  Asp Ser Asp Ser Asp  Ala
            1160                1165                 1170

gat agt gat tca  gac tca gac agt gac  tcg gac gca gac agc  gat        3564
Asp Ser Asp Ser  Asp Ser Asp Ser Asp  Ser Asp Ala Asp Ser  Asp
            1175                1180                 1185

tct gac gca gac  agt gac tca gac gca  gat agt gat tct gac  tca        3609
Ser Asp Ala Asp  Ser Asp Ser Asp Ala  Asp Ser Asp Ser Asp  Ser
            1190                1195                 1200

gac agc gac tca  gac gca gat agt gat  tcc gat tca gac agc  gac        3654
```

Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
         1205   1210   1215

tcg gat tca gat agt gat tcg gat gca gac agc gac tcg gat tct   3699
Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser
         1220   1225   1230

gac agt gat tct gac gca gac agt gac tca gat tca gac agt gac   3744
Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
         1235   1240   1245

tcg gat tca gac agc gat tcg gat tcc gat tca gac agt gac tcg   3789
Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
         1250   1255   1260

gat tca gac agt gac tca gac tcc gac agt gat tcc gat tca gat   3834
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
         1265   1270   1275

agc gac tcc gac gca gat agt gat tcg gac gca gac agt gac tca   3879
Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser
         1280   1285   1290

gat tca gac agt gat tcg gac gca gac agt gac tcg gac tca gat   3924
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
         1295   1300   1305

agt gat tca gat gca gac agc gat tca gac tca gat agc gac tcg   3969
Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
         1310   1315   1320

gat tca gac agc gac tcc gac gca gac agc gac tcg gat tca gat   4014
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
         1325   1330   1335

agt gat tct gac tca gac agt gac tca gat tcc gat agt gat tcg   4059
Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
         1340   1345   1350

gat tca gat agt gat tcc gac gca gac agc gat tcg gat tcc gat   4104
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
         1355   1360   1365

agc gat tca gac tca gac agc gat tca gat tca gac agc gac tca   4149
Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
         1370   1375   1380

gat tca gat agt gat tcc gac gca gac agc gat gca gac agc gac   4194
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp
         1385   1390   1395

tca gac gca gac agt gat tca gat gca gac agc gat tct gac tca   4239
Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser
         1400   1405   1410

gat agt gac tca gac gca gat agt gat tcc gat tcc gat agc gat   4284
Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp

```
              1415                        1420                        1425

tca gat tct gat   agt gac tca gac tca   gac agt gac tca gat   tcc        4329
Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser
              1430                        1435                        1440

gat agc gac tcg   gat tca gat agt gat   tcc gac gca gac agt   gac        4374
Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ala Asp Ser   Asp
              1445                        1450                        1455

tca gac tca gat   agt gac tcg gat tcc   gat agt gat tcc gac   gca        4419
Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ala
              1460                        1465                        1470

gac agc gat tct   gac tca gat agt gac   tca gac gca gat agt   gat        4464
Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ala Asp Ser   Asp
              1475                        1480                        1485

tcc gat tcc gat   agc gat tcg gat gca   gac agc gac tcg gat   tca        4509
Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ala   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser
              1490                        1495                        1500

gat agt gat tcc   gac gca gac agt gac   tca gac tca gat agt   gac        4554
Asp Ser Asp Ser   Asp Ala Asp Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp
              1505                        1510                        1515

tcg gat tcc gat   agt gat tcc gac gca   gac agc gat tcg gat   tcc        4599
Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ala   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser
              1520                        1525                        1530

gat agc gat tca   gac tcc gac agc gat   tca gat tca gac agc   gac        4644
Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp
              1535                        1540                        1545

tca gat tcc gat   agt gat tcc gat tca   gac agt gac tcg gat   tcc        4689
Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser
              1550                        1555                        1560

gat agt gac tca   gac tca gac agt gac   tca gat tca gat agc   gac        4734
Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp
              1565                        1570                        1575

tca gat tca gac   agt gat tcg gac tca   gat agt gac tcc gat   tca        4779
Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser
              1580                        1585                        1590

gac agt gat tcg   gat tcc gat agc gat   tcg gat tcc gat agt   gac        4824
Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp
              1595                        1600                        1605

tcg gat tca gac   agt gat tcg gac tca   gac agc gac tcc gat   tca        4869
Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser
              1610                        1615                        1620

gat agt gat tcc   gac tca gac agc gat   tcg gat tcc gat agt   gac        4914
Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp
              1625                        1630                        1635
```

```
tcg gat tca gac  agt gat tcg gac tca  gac agc gac tcc gat  tca        4959
Ser Asp Ser Asp  Ser Asp Ser Asp Ser  Asp Ser Asp Ser Asp  Ser
            1640                1645                1650

gat agt gat tcc  gac gca gac agc gac  tcc gat tca gat agt  gat        5004
Asp Ser Asp Ser  Asp Ala Asp Ser Asp  Ser Asp Ser Asp Ser  Asp
            1655                1660                1665

tcg gac gca gac  agc gat tcc gat agt  gac tcg gat tca gac  agt        5049
Ser Asp Ala Asp  Ser Asp Ser Asp Ser  Asp Ser Asp Ser Asp  Ser
            1670                1675                1680

gat tcg gac tca  gac agc gat tcc gat  tca gac agt gac tcg  gac        5094
Asp Ser Asp Ser  Asp Ser Asp Ser Asp  Ser Asp Ser Asp Ser  Asp
            1685                1690                1695

tca gat agc gac  tcg gat tca gac agt  gac tcg gac tca gat  agt        5139
Ser Asp Ser Asp  Ser Asp Ser Asp Ser  Asp Ser Asp Ser Asp  Ser
            1700                1705                1710

gac tcc gat tca  gac agc gac tcg gat  tct gat aaa aat gca  aaa        5184
Asp Ser Asp Ser  Asp Ser Asp Ser Asp  Ser Asp Lys Asn Ala  Lys
            1715                1720                1725

gat aaa tta cct  gat aca gga gca aat  gaa gat cat gat tct  aaa        5229
Asp Lys Leu Pro  Asp Thr Gly Ala Asn  Glu Asp His Asp Ser  Lys
            1730                1735                1740

ggc aca tta ctt  gga act tta ttt gca  ggt tta gga gca tta  tta        5274
Gly Thr Leu Leu  Gly Thr Leu Phe Ala  Gly Leu Gly Ala Leu  Leu
            1745                1750                1755

tta gga aga cgt  cgt aaa aaa gat aat  aaa gaa aaa tag cac tat        5319
Leu Gly Arg Arg  Arg Lys Lys Asp Asn  Lys Glu Lys     His Tyr
            1760                1765                    1770

tga ttc att cat aag tta  ttt caa gcc agg tct  ata tgg cct ggt        5364
    Phe Ile His Lys Leu  Phe Gln Ala Arg Ser  Ile Trp Pro Gly
                    1775                1780

ttg  aaa tca tat taa att gaa  agg aga aaa aga tga gta  tgg        5406
Leu  Lys Ser Tyr     Ile Glu  Arg Arg Lys Arg     Val  Trp
1785                     1790                    1795


<210>  2
<211>  11
<212>  PRT
<213>  Staphylococcus epidermidis

<400>  2

Tyr Trp Ile Asn Tyr Ala Tyr Lys Val Phe Thr
1               5                   10
```

<210> 3
<211> 15
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 3

Lys Cys Lys Cys Asn Leu Gln Val Asn Ile Gln Ile Ile Ser Leu
1   5   10   15

<210> 4
<211> 1742
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 4

Asn Ile Tyr Phe Asn Trp Arg Tyr Ser Met Lys Lys Arg Arg Gln Gly
1   5   10   15

Pro Ile Asn Lys Arg Val Asp Phe Leu Ser Asn Lys Val Asn Lys Tyr
            20   25   30

Ser Ile Arg Lys Phe Thr Val Gly Thr Ala Ser Ile Leu Val Gly Ala
            35   40   45

Thr Leu Met Phe Gly Ala Ala Asp Asn Glu Ala Lys Ala Ala Glu Asp
        50   55   60

Asn Gln Leu Glu Ser Ala Ser Lys Glu Glu Gln Lys Gly Ser Arg Asp
65   70   75   80

Asn Glu Asn Ser Lys Leu Asn Gln Val Asp Leu Asp Asn Gly Ser His
                85   90   95

Ser Ser Glu Lys Thr Thr Asn Val Asn Asn Ala Thr Glu Val Lys Lys
            100   105   110

Val Glu Ala Pro Thr Thr Ser Asp Val Ser Lys Pro Lys Ala Asn Glu
            115   120   125

Ala Val Val Thr Asn Glu Ser Thr Lys Pro Lys Thr Thr Glu Ala Pro
        130   135   140

Thr Val Asn Glu Glu Ser Ile Ala Glu Thr Pro Lys Thr Ser Thr Thr
145   150   155   160

Gln Gln Asp Ser Thr Glu Lys Asn Asn Pro Ser Leu Lys Asp Asn Leu
                165   170   175

Asn Ser Ser Ser Thr Thr Ser Lys Glu Ser Lys Thr Asp Glu His Ser
            180   185   190

Thr Lys Gln Ala Gln Met Ser Thr Asn Lys Ser Asn Leu Asp Thr Asn
            195   200   205

```
Asp Ser Pro Thr Gln Ser Glu Lys Thr Ser Ser Gln Ala Asn Asn Asp
    210                 215                 220

Ser Thr Asp Asn Gln Ser Ala Pro Ser Lys Gln Leu Asp Ser Lys Pro
225                 230                 235                 240

Ser Glu Gln Lys Val Tyr Lys Thr Lys Phe Asn Asp Glu Pro Thr Gln
                245                 250                 255

Asp Val Glu His Thr Thr Thr Lys Leu Lys Thr Pro Ser Val Ser Thr
                260                 265                 270

Asp Ser Ser Val Asn Asp Lys Gln Asp Tyr Thr Arg Ser Ala Val Ala
        275                 280                 285

Ser Leu Gly Val Asp Ser Asn Glu Thr Glu Ala Ile Thr Asn Ala Val
    290                 295                 300

Arg Asp Asn Leu Asp Leu Lys Ala Ala Ser Arg Glu Gln Ile Asn Glu
305                 310                 315                 320

Ala Ile Ile Ala Glu Ala Leu Lys Lys Asp Phe Ser Asn Pro Asp Tyr
                325                 330                 335

Gly Val Asp Thr Pro Leu Ala Leu Asn Arg Ser Gln Ser Lys Asn Ser
                340                 345                 350

Pro His Lys Ser Ala Ser Pro Arg Met Asn Leu Met Ser Leu Ala Ala
        355                 360                 365

Glu Pro Asn Ser Gly Lys Asn Val Asn Asp Lys Val Lys Ile Thr Asn
    370                 375                 380

Pro Thr Leu Ser Leu Asn Lys Ser Asn Asn His Ala Asn Asn Val Ile
385                 390                 395                 400

Trp Pro Thr Ser Asn Glu Gln Phe Asn Leu Lys Ala Asn Tyr Glu Leu
                405                 410                 415

Asp Asp Ser Ile Lys Glu Gly Asp Thr Phe Thr Ile Lys Tyr Gly Gln
                420                 425                 430

Tyr Ile Arg Pro Gly Gly Leu Glu Leu Pro Ala Ile Lys Thr Gln Leu
        435                 440                 445

Arg Ser Lys Asp Gly Ser Ile Val Ala Asn Gly Val Tyr Asp Lys Thr
    450                 455                 460

Thr Asn Thr Thr Thr Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Val Asp Gln Tyr Gln
465                 470                 475                 480

Asn Ile Thr Gly Ser Phe Asp Leu Ile Ala Thr Pro Lys Arg Glu Thr
                485                 490                 495

Ala Ile Lys Asp Asn Gln Asn Tyr Pro Met Glu Val Thr Ile Ala Asn
        500                 505                 510
```

```
Glu Val Val Lys Lys Asp Phe Ile Val Asp Tyr Gly Asn Lys Lys Asp
        515             520             525

Asn Thr Thr Thr Ala Ala Val Ala Asn Val Asp Asn Val Asn Asn Lys
        530             535             540

His Asn Glu Val Val Tyr Leu Asn Gln Asn Asn Gln Asn Pro Lys Tyr
545             550             555             560

Ala Lys Tyr Phe Ser Thr Val Lys Asn Gly Glu Phe Ile Pro Gly Glu
            565             570             575

Val Lys Val Tyr Glu Val Thr Asp Thr Asn Ala Met Val Asp Ser Phe
            580             585             590

Asn Pro Asp Leu Asn Ser Ser Asn Val Lys Asp Val Thr Ser Gln Phe
        595             600             605

Ala Pro Lys Val Ser Ala Asp Gly Thr Arg Val Asp Ile Asn Phe Ala
        610             615             620

Arg Ser Met Ala Asn Gly Lys Lys Tyr Ile Val Thr Gln Ala Val Arg
625             630             635             640

Pro Thr Gly Thr Gly Asn Val Tyr Thr Glu Tyr Trp Leu Thr Arg Asp
            645             650             655

Gly Thr Thr Asn Thr Asn Asp Phe Tyr Arg Gly Thr Lys Ser Thr Thr
            660             665             670

Val Thr Tyr Leu Asn Gly Ser Ser Thr Ala Gln Gly Asp Asn Pro Thr
            675             680             685

Tyr Ser Leu Gly Asp Tyr Val Trp Leu Asp Lys Asn Lys Asn Gly Val
        690             695             700

Gln Asp Asp Asp Glu Lys Gly Leu Ala Gly Val Tyr Val Thr Leu Lys
705             710             715             720

Asp Ser Asn Asn Arg Glu Leu Gln Arg Val Thr Thr Asp Gln Ser Gly
            725             730             735

His Tyr Gln Phe Asp Asn Leu Gln Asn Gly Thr Tyr Thr Val Glu Phe
            740             745             750

Ala Ile Pro Asp Asn Tyr Thr Pro Ser Pro Ala Asn Asn Ser Thr Asn
            755             760             765

Asp Ala Ile Asp Ser Asp Gly Glu Arg Asp Gly Thr Arg Lys Val Val
        770             775             780

Val Ala Lys Gly Thr Ile Asn Asn Ala Asp Asn Met Thr Val Asp Thr
785             790             795             800

Gly Phe Tyr Leu Thr Pro Lys Tyr Asn Val Gly Asp Tyr Val Trp Glu
            805             810             815
```

```
Asp Thr Asn Lys Asp Gly Ile Gln Asp Asp Asn Glu Lys Gly Ile Ser
        820                 825                 830

Gly Val Lys Val Thr Leu Lys Asn Lys Asn Gly Asp Thr Ile Gly Thr
        835                 840                 845

Thr Thr Thr Asp Ser Asn Gly Lys Tyr Glu Phe Thr Gly Leu Glu Asn
    850                 855                 860

Gly Asp Tyr Thr Ile Glu Phe Glu Thr Pro Glu Gly Tyr Thr Pro Thr
865                 870                 875                 880

Lys Gln Asn Ser Gly Ser Asp Glu Gly Lys Asp Ser Asn Gly Thr Lys
                885                 890                 895

Thr Thr Val Thr Val Lys Asp Ala Asp Asn Lys Thr Ile Asp Ser Gly
        900                 905                 910

Phe Tyr Lys Pro Thr Tyr Asn Leu Gly Asp Tyr Val Trp Glu Asp Thr
        915                 920                 925

Asn Lys Asp Gly Ile Gln Asp Asp Ser Glu Lys Gly Ile Ser Gly Val
    930                 935                 940

Lys Val Thr Leu Lys Asp Lys Asn Gly Asn Ala Ile Gly Thr Thr Thr
945                 950                 955                 960

Thr Asp Ala Ser Gly His Tyr Gln Phe Lys Gly Leu Glu Asn Gly Ser
                965                 970                 975

Tyr Thr Val Glu Phe Glu Thr Pro Ser Gly Tyr Thr Pro Thr Lys Ala
        980                 985                 990

Asn Ser Gly Gln Asp Ile Thr Val  Asp Ser Asn Gly Ile  Thr Thr Thr
        995                 1000                1005

Gly Ile  Ile Asn Gly Ala Asp  Asn Leu Thr Ile Asp  Ser Gly Phe
    1010                1015                1020

Tyr Lys  Thr Pro Lys Tyr Ser  Val Gly Asp Tyr Val  Trp Glu Asp
    1025                1030                1035

Thr Asn  Lys Asp Gly Ile Gln  Asp Asp Asn Glu Lys  Gly Ile Ser
    1040                1045                1050

Gly Val  Lys Val Thr Leu Lys  Asp Glu Lys Gly Asn  Ile Ile Ser
    1055                1060                1065

Thr Thr  Thr Thr Asp Glu Asn  Gly Lys Tyr Gln Phe  Asp Asn Leu
    1070                1075                1080

Asp Ser  Gly Asn Tyr Ile Ile  His Phe Glu Lys Pro  Glu Gly Met
    1085                1090                1095

Thr Gln  Thr Thr Ala Asn Ser  Gly Asn Asp Asp Glu  Lys Asp Ala
    1100                1105                1110
```

Asp Gly Glu Asp Val Arg Val Thr Ile Thr Asp His Asp Asp Phe
1115   1120   1125

Ser Ile Asp Asn Gly Tyr Phe Asp Asp Asp Ser Asp Ser Asp Ser
1130   1135   1140

Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp
1145   1150   1155

Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser
1160   1165   1170

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
1175   1180   1185

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser
1190   1195   1200

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
1205   1210   1215

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
1220   1225   1230

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
1235   1240   1245

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser
1250   1255   1260

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp
1265   1270   1275

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
1280   1285   1290

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp
1295   1300   1305

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
1310   1315   1320

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp
1325   1330   1335

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
1340   1345   1350

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ala Asp
1355   1360   1365

Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser
1370   1375   1380

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
1385   1390   1395

Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser
   1400   1405   1410

Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp Ala Asp
   1415   1420   1425

Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser
   1430   1435   .   1440

Asp Ala   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp Ala Asp
   1445   1450   1455

Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp Ala Asp   Ser Asp Ser
   1460   1465   1470

Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ala Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp
   1475   1480   1485

Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp Ala Asp   Ser Asp Ser
   1490   1495   1500

Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp
   1505   1510   1515

Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser
   1520   1525   1530

Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp
   1535   1540   1545

Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser
   1550   1555   1560

Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp
   1565   1570   1575

Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser
   1580   1585   1590

Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp
   1595   1600   1605

Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser
   1610   1615   1620

Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ala Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp
   1625   1630   1635

Ser Asp   Ser Asp Ala Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser
   1640   1645   1650

Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp
   1655   1660   1665

Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser
   1670   1675   1680

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Lys Asn
    1685   1690   1695

Ala Lys Asp Lys Leu Pro Asp Thr Gly Ala Asn Glu Asp His Asp
    1700   1705   1710

Ser Lys Gly Thr Leu Leu Gly Thr Leu Phe Ala Gly Leu Gly Ala
    1715   1720   1725

Leu Leu Leu Gly Arg Arg Arg Lys Lys Asp Asn Lys Glu Lys
    1730   1735   1740

<210> 5
<211> 18
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 5

Phe Ile His Lys Leu Phe Gln Ala Arg Ser Ile Trp Pro Gly Leu Lys
1   5   10   15

Ser Tyr

<210> 6
<211> 6
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 6

Ile Glu Arg Arg Lys Arg
1   5

<210> 7
<211> 2976
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<220>
<221> CDS
<222> (3)..(2975)
<223>

<400> 7
at att gca aaa aag act tat ata cta tat tgt att tta ctc tag aaa   47
    Ile Ala Lys Lys Thr Tyr Ile Leu Tyr Cys Ile Leu Leu   Lys
    1   5   10

cga ttt tta ctt gaa aat tac att gaa ata gtc aaa gat aag gag ttt   95
Arg Phe Leu Leu Glu Asn Tyr Ile Glu Ile Val Lys Asp Lys Glu Phe
15   20   25   30

tta tga tta aaa aaa aat aat tta cta act aaa aag aaa cct ata gca   143

Leu   Leu Lys Lys Asn Asn Leu Leu Thr Lys Lys Lys Pro Ile Ala
                      35   40   45

```
aat aaa tcc aat aaa tat gca att aga aaa ttc aca gta ggt aca gcg       191
Asn Lys Ser Asn Lys Tyr Ala Ile Arg Lys Phe Thr Val Gly Thr Ala
                50                      55                  60

tct att gta ata ggt gca gca tta ttg ttt ggt tta ggt cat aat gag       239
Ser Ile Val Ile Gly Ala Ala Leu Leu Phe Gly Leu Gly His Asn Glu
                65                      70                  75

gcc aaa gct gag gag aat aca gta caa gac gtt aaa gat tcg aat atg       287
Ala Lys Ala Glu Glu Asn Thr Val Gln Asp Val Lys Asp Ser Asn Met
            80                      85                  90

gat gat gaa tta tca gat agc aat gat cag tcc agt aat gaa gaa aag       335
Asp Asp Glu Leu Ser Asp Ser Asn Asp Gln Ser Ser Asn Glu Glu Lys
        95                      100                     105

aat gat gta atc aat aat agt cag tca ata aac acc gat gat gat aac       383
Asn Asp Val Ile Asn Asn Ser Gln Ser Ile Asn Thr Asp Asp Asp Asn
110                     115                     120                 125

caa ata aaa aaa gaa gaa acg aat agc aac gat gcc ata gaa aat cgc       431
Gln Ile Lys Lys Glu Glu Thr Asn Ser Asn Asp Ala Ile Glu Asn Arg
                130                     135                 140

tct aaa gat ata aca cag tca aca aca aat gta gat gaa aac gaa gca       479
Ser Lys Asp Ile Thr Gln Ser Thr Thr Asn Val Asp Glu Asn Glu Ala
                145                     150                 155

aca ttt tta caa aag acc cct caa gat aat act cag ctt aaa gaa gaa       527
Thr Phe Leu Gln Lys Thr Pro Gln Asp Asn Thr Gln Leu Lys Glu Glu
        160                     165                     170

gtg gta aaa gaa ccc tca tca gtc gaa tcc tca aat tca tca atg gat       575
Val Val Lys Glu Pro Ser Ser Val Glu Ser Ser Asn Ser Ser Met Asp
        175                     180                     185

act gcc caa caa cca tct cat aca aca ata aat agt gaa gca tct att       623
Thr Ala Gln Gln Pro Ser His Thr Thr Ile Asn Ser Glu Ala Ser Ile
190                     195                     200                 205

caa aca agt gat aat gaa gaa aat tcc cgc gta tca gat ttt gct aac       671
Gln Thr Ser Asp Asn Glu Glu Asn Ser Arg Val Ser Asp Phe Ala Asn
                210                     215                 220

tct aaa ata ata gag agt aac act gaa tcc aat aaa gaa gag aat act       719
Ser Lys Ile Ile Glu Ser Asn Thr Glu Ser Asn Lys Glu Glu Asn Thr
                225                     230                 235

ata gag caa cct aac aaa gta aga gaa gat tca ata aca agt caa ccg       767
Ile Glu Gln Pro Asn Lys Val Arg Glu Asp Ser Ile Thr Ser Gln Pro
            240                     245                 250

tct agc tat aaa aat ata gat gaa aaa att tca aat caa gat gag tta       815
Ser Ser Tyr Lys Asn Ile Asp Glu Lys Ile Ser Asn Gln Asp Glu Leu
```

```
tta aat tta cca ata aat gaa tat gaa aat aag gtt aga ccg tta tct        863
Leu Asn Leu Pro Ile Asn Glu Tyr Glu Asn Lys Val Arg Pro Leu Ser
270                 275                 280                 285

aca aca tct gcc caa cca tcg agt aag cgt gta acc gta aat caa tta        911
Thr Thr Ser Ala Gln Pro Ser Ser Lys Arg Val Thr Val Asn Gln Leu
                290                 295                 300

gcg gca gaa caa ggt tcg aat gtt aat cat tta att aaa gtt act gat        959
Ala Ala Glu Gln Gly Ser Asn Val Asn His Leu Ile Lys Val Thr Asp
                305                 310                 315

caa agt att act gaa gga tat gat gat agt gat ggt att att aaa gca       1007
Gln Ser Ile Thr Glu Gly Tyr Asp Asp Ser Asp Gly Ile Ile Lys Ala
                320                 325                 330

cat gat gct gaa aac tta atc tat gat gta act ttt gaa gta gat gat       1055
His Asp Ala Glu Asn Leu Ile Tyr Asp Val Thr Phe Glu Val Asp Asp
                335                 340                 345

aag gtg aaa tct ggt gat acg atg aca gtg aat ata gat aag aat aca       1103
Lys Val Lys Ser Gly Asp Thr Met Thr Val Asn Ile Asp Lys Asn Thr
350                 355                 360                 365

gtt cca tca gat tta acc gat agt ttt gca ata cca aaa ata aaa gat       1151
Val Pro Ser Asp Leu Thr Asp Ser Phe Ala Ile Pro Lys Ile Lys Asp
                370                 375                 380

aat tct gga gaa atc atc gct aca ggt act tat gac aac aca aat aaa       1199
Asn Ser Gly Glu Ile Ile Ala Thr Gly Thr Tyr Asp Asn Thr Asn Lys
                385                 390                 395

caa att acc tac act ttt aca gat tat gta gat aaa tat gaa aat att       1247
Gln Ile Thr Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr Val Asp Lys Tyr Glu Asn Ile
                400                 405                 410

aaa gcg cac ctt aaa tta aca tca tac att gat aaa tca aag gtt cca       1295
Lys Ala His Leu Lys Leu Thr Ser Tyr Ile Asp Lys Ser Lys Val Pro
                415                 420                 425

aat aat aac act aag tta gat gta gaa tat aag acg gcc ctt tca tca       1343
Asn Asn Asn Thr Lys Leu Asp Val Glu Tyr Lys Thr Ala Leu Ser Ser
430                 435                 440                 445

gta aat aaa aca att acg gtt gaa tat caa aaa cct aac gaa aat cgg       1391
Val Asn Lys Thr Ile Thr Val Glu Tyr Gln Lys Pro Asn Glu Asn Arg
                450                 455                 460

act gct aac ctt caa agt atg ttc aca aac ata gat acg aaa aac cat       1439
Thr Ala Asn Leu Gln Ser Met Phe Thr Asn Ile Asp Thr Lys Asn His
                465                 470                 475

aca gtt gag caa acg att tat att aac cct ctt cgt tat tca gcc aaa       1487
Thr Val Glu Gln Thr Ile Tyr Ile Asn Pro Leu Arg Tyr Ser Ala Lys
                480                 485                 490
```

```
gaa aca aat gta aat att tca ggg aat ggc gat gaa ggt tca aca att        1535
Glu Thr Asn Val Asn Ile Ser Gly Asn Gly Asp Glu Gly Ser Thr Ile
    495             500             505

atc gac gat agt aca atc att aaa gtt tat aag gtt gga gat aat caa        1583
Ile Asp Asp Ser Thr Ile Ile Lys Val Tyr Lys Val Gly Asp Asn Gln
510             515             520             525

aat tta cca gat agt aac aga att tat gat tac agt gaa tat gaa gat        1631
Asn Leu Pro Asp Ser Asn Arg Ile Tyr Asp Tyr Ser Glu Tyr Glu Asp
            530             535             540

gtc aca aat gat gat tat gcc caa tta gga aat aat aat gac gtg aat        1679
Val Thr Asn Asp Asp Tyr Ala Gln Leu Gly Asn Asn Asn Asp Val Asn
            545             550             555

att aat ttt ggt aat ata gat tca cca tat att att aaa gtt att agt        1727
Ile Asn Phe Gly Asn Ile Asp Ser Pro Tyr Ile Ile Lys Val Ile Ser
            560             565             570

aaa tat gac cct aat aag gac gat tac acg acg ata cag caa act gtg        1775
Lys Tyr Asp Pro Asn Lys Asp Asp Tyr Thr Thr Ile Gln Gln Thr Val
    575             580             585

aca atg caa acg act ata aat gag tat act ggt gag ttt aga aca gca        1823
Thr Met Gln Thr Thr Ile Asn Glu Tyr Thr Gly Glu Phe Arg Thr Ala
590             595             600             605

tcc tat gat aat aca att gct ttc tct aca agt tca ggt caa gga caa        1871
Ser Tyr Asp Asn Thr Ile Ala Phe Ser Thr Ser Ser Gly Gln Gly Gln
            610             615             620

ggt gac ttg cct cct gaa aaa act tat aaa atc gga gat tac gta tgg        1919
Gly Asp Leu Pro Pro Glu Lys Thr Tyr Lys Ile Gly Asp Tyr Val Trp
            625             630             635

gaa gat gta gat aaa gat ggt att caa aat aca aat gat aat gaa aaa        1967
Glu Asp Val Asp Lys Asp Gly Ile Gln Asn Thr Asn Asp Asn Glu Lys
            640             645             650

ccg ctt agt aat gta ttg gta act ttg acg tat cct gat gga act tca        2015
Pro Leu Ser Asn Val Leu Val Thr Leu Thr Tyr Pro Asp Gly Thr Ser
    655             660             665

aaa tca gtc aga aca gat gaa gag ggg aaa tat caa ttt gat ggg tta        2063
Lys Ser Val Arg Thr Asp Glu Glu Gly Lys Tyr Gln Phe Asp Gly Leu
670             675             680             685

aaa aac gga ttg act tat aaa att aca ttc gaa aca ccg gaa gga tat        2111
Lys Asn Gly Leu Thr Tyr Lys Ile Thr Phe Glu Thr Pro Glu Gly Tyr
            690             695             700

acg ccg acg ctt aaa cat tca gga aca aat cct gca cta gac tca gaa        2159
Thr Pro Thr Leu Lys His Ser Gly Thr Asn Pro Ala Leu Asp Ser Glu
    705             710             715
```

```
ggc aat tct gta tgg gta act att aac gga caa gac gat atg act att        2207
Gly Asn Ser Val Trp Val Thr Ile Asn Gly Gln Asp Asp Met Thr Ile
        720             725             730

gat agc gga ttt tat caa aca cct aaa tat agc tta ggg aac tat gta        2255
Asp Ser Gly Phe Tyr Gln Thr Pro Lys Tyr Ser Leu Gly Asn Tyr Val
        735             740             745

tgg tat gac act aat aaa gat ggt att caa ggt gat gat gaa aaa gga        2303
Trp Tyr Asp Thr Asn Lys Asp Gly Ile Gln Gly Asp Asp Glu Lys Gly
750             755             760             765

atc tct gga gta aaa gtg acg tta aaa gat gaa aac gga aat atc att        2351
Ile Ser Gly Val Lys Val Thr Leu Lys Asp Glu Asn Gly Asn Ile Ile
                770             775             780

agt aca aca aca act gat gaa aat gga aag tat caa ttt gat aat tta        2399
Ser Thr Thr Thr Thr Asp Glu Asn Gly Lys Tyr Gln Phe Asp Asn Leu
                785             790             795

aat agt ggt aat tat att gtt cat ttt gat aaa cct tca ggt atg act        2447
Asn Ser Gly Asn Tyr Ile Val His Phe Asp Lys Pro Ser Gly Met Thr
            800             805             810

caa aca aca aca gat tct ggt gat gat gac gaa cag gat gct gat ggg        2495
Gln Thr Thr Thr Asp Ser Gly Asp Asp Asp Glu Gln Asp Ala Asp Gly
        815             820             825

gaa gaa gtc cat gta aca att act gat cat gat gac ttt agt ata gat        2543
Glu Glu Val His Val Thr Ile Thr Asp His Asp Asp Phe Ser Ile Asp
830             835             840             845

aac gga tac tat gat gac gac tca gat tca gat agt gat tca gac tca        2591
Asn Gly Tyr Tyr Asp Asp Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
            850             855             860

gat agc gac gac tca gac tcc gat agc gat tcc gac tca gac agc gac        2639
Asp Ser Asp Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
            865             870             875

tca gat tcc gat agt gat tca gat tca gac agt gac tca gac tca gat        2687
Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
            880             885             890

agt gat tca gat tca gac agc gat tcc gac tca gac agt gac tca gga        2735
Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Gly
        895             900             905

tta gac aat agc tca gat aag aat aca aaa gat aaa tta ccg gat aca        2783
Leu Asp Asn Ser Ser Asp Lys Asn Thr Lys Asp Lys Leu Pro Asp Thr
910             915             920             925

gga gct aat gaa gat cat gat tct aaa ggc aca tta ctt gga gct tta        2831
Gly Ala Asn Glu Asp His Asp Ser Lys Gly Thr Leu Leu Gly Ala Leu
                930             935             940

ttt gca ggt tta gga gcg tta tta tta ggg aag cgt cgc aaa aat aga        2879
```

Phe Ala Gly Leu Gly Ala Leu Leu Leu Gly Lys Arg Arg Lys Asn Arg
          945   950   955

aaa aat aaa aat taa att att caa atg aaa tta gtg aaa gaa gca gat   2927
Lys Asn Lys Asn   Ile Ile Gln Met Lys Leu Val Lys Glu Ala Asp
          960   965   970

acg aca ttt gaa tag aaa gta tat tta gtc caa caa ata taa ggt gtt g   2976
Thr Thr Phe Glu   Lys Val Tyr Leu Val Gln Gln Ile   Gly Val
          975   980   985

<210> 8
<211> 13
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 8

Ile Ala Lys Lys Thr Tyr Ile Leu Tyr Cys Ile Leu Leu
1   5   10

<210> 9
<211> 18
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 9

Lys Arg Phe Leu Leu Glu Asn Tyr Ile Glu Ile Val Lys Asp Lys Glu
1   5   10   15

Phe Leu

<210> 10
<211> 930
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 10

Leu Lys Lys Asn Asn Leu Leu Thr Lys Lys Lys Pro Ile Ala Asn Lys
1   5   10   15

Ser Asn Lys Tyr Ala Ile Arg Lys Phe Thr Val Gly Thr Ala Ser Ile
          20   25   30

Val Ile Gly Ala Ala Leu Leu Phe Gly Leu Gly His Asn Glu Ala Lys
          35   40   45

Ala Glu Glu Asn Thr Val Gln Asp Val Lys Asp Ser Asn Met Asp Asp
     50   55   60

Glu Leu Ser Asp Ser Asn Asp Gln Ser Ser Asn Glu Glu Lys Asn Asp
65   70   75   80

Val Ile Asn Asn Ser Gln Ser Ile Asn Thr Asp Asp Asp Asn Gln Ile
                85   90   95

Lys Lys Glu Glu Thr Asn Ser Asn Asp Ala Ile Glu Asn Arg Ser Lys
            100   105   110

Asp Ile Thr Gln Ser Thr Thr Asn Val Asp Glu Asn Glu Ala Thr Phe
        115   120   125

Leu Gln Lys Thr Pro Gln Asp Asn Thr Gln Leu Lys Glu Glu Val Val
    130   135   140

Lys Glu Pro Ser Ser Val Glu Ser Ser Asn Ser Ser Met Asp Thr Ala
145   150   155   160

Gln Gln Pro Ser His Thr Thr Ile Asn Ser Glu Ala Ser Ile Gln Thr
            165   170   175

Ser Asp Asn Glu Glu Asn Ser Arg Val Ser Asp Phe Ala Asn Ser Lys
            180   185   190

Ile Ile Glu Ser Asn Thr Glu Ser Asn Lys Glu Glu Asn Thr Ile Glu
        195   200   205

Gln Pro Asn Lys Val Arg Glu Asp Ser Ile Thr Ser Gln Pro Ser Ser
    210   215   220

Tyr Lys Asn Ile Asp Glu Lys Ile Ser Asn Gln Asp Glu Leu Leu Asn
225   230   235   240

Leu Pro Ile Asn Glu Tyr Glu Asn Lys Val Arg Pro Leu Ser Thr Thr
            245   250   255

Ser Ala Gln Pro Ser Ser Lys Arg Val Thr Val Asn Gln Leu Ala Ala
            260   265   270

Glu Gln Gly Ser Asn Val Asn His Leu Ile Lys Val Thr Asp Gln Ser
            275   280   285

Ile Thr Glu Gly Tyr Asp Asp Ser Asp Gly Ile Ile Lys Ala His Asp
    290   295   300

Ala Glu Asn Leu Ile Tyr Asp Val Thr Phe Glu Val Asp Asp Lys Val
305   310   315   320

Lys Ser Gly Asp Thr Met Thr Val Asn Ile Asp Lys Asn Thr Val Pro
                325   330   335

Ser Asp Leu Thr Asp Ser Phe Ala Ile Pro Lys Ile Lys Asp Asn Ser
                340   345   350

Gly Glu Ile Ile Ala Thr Gly Thr Tyr Asp Asn Thr Asn Lys Gln Ile
                355   360   365

Thr Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr Val Asp Lys Tyr Glu Asn Ile Lys Ala
    370   375   380

His Leu Lys Leu Thr Ser Tyr Ile Asp Lys Ser Lys Val Pro Asn Asn
385   390   395   400

Asn Thr Lys Leu Asp Val Glu Tyr Lys Thr Ala Leu Ser Ser Val Asn
                405   410   415

Lys Thr Ile Thr Val Glu Tyr Gln Lys Pro Asn Glu Asn Arg Thr Ala
                420   425   430

Asn Leu Gln Ser Met Phe Thr Asn Ile Asp Thr Lys Asn His Thr Val
                435   440   445

Glu Gln Thr Ile Tyr Ile Asn Pro Leu Arg Tyr Ser Ala Lys Glu Thr
    450   455   460

Asn Val Asn Ile Ser Gly Asn Gly Asp Glu Gly Ser Thr Ile Ile Asp
465   470   475   480

Asp Ser Thr Ile Ile Lys Val Tyr Lys Val Gly Asp Asn Gln Asn Leu
                485   490   495

Pro Asp Ser Asn Arg Ile Tyr Asp Tyr Ser Glu Tyr Glu Asp Val Thr
                500   505   510

Asn Asp Asp Tyr Ala Gln Leu Gly Asn Asn Asn Asp Val Asn Ile Asn
        515   520   525

Phe Gly Asn Ile Asp Ser Pro Tyr Ile Ile Lys Val Ile Ser Lys Tyr
        530   535   540

Asp Pro Asn Lys Asp Asp Tyr Thr Thr Ile Gln Gln Thr Val Thr Met
545   550   555   560

Gln Thr Thr Ile Asn Glu Tyr Thr Gly Glu Phe Arg Thr Ala Ser Tyr
                565   570   575

Asp Asn Thr Ile Ala Phe Ser Thr Ser Ser Gly Gln Gly Gln Gly Asp
            580   585   590

Leu Pro Pro Glu Lys Thr Tyr Lys Ile Gly Asp Tyr Val Trp Glu Asp
        595   600   605

Val Asp Lys Asp Gly Ile Gln Asn Thr Asn Asp Asn Glu Lys Pro Leu
    610   615   620

Ser Asn Val Leu Val Thr Leu Thr Tyr Pro Asp Gly Thr Ser Lys Ser
625   630   635   640

Val Arg Thr Asp Glu Glu Gly Lys Tyr Gln Phe Asp Gly Leu Lys Asn
            645   650   655

Gly Leu Thr Tyr Lys Ile Thr Phe Glu Thr Pro Glu Gly Tyr Thr Pro
            660   665   670

Thr Leu Lys His Ser Gly Thr Asn Pro Ala Leu Asp Ser Glu Gly Asn
        675   680   685

Ser Val Trp Val Thr Ile Asn Gly Gln Asp Asp Met Thr Ile Asp Ser
    690   695   700

Gly Phe Tyr Gln Thr Pro Lys Tyr Ser Leu Gly Asn Tyr Val Trp Tyr
705   710   715   720

Asp Thr Asn Lys Asp Gly Ile Gln Gly Asp Asp Glu Lys Gly Ile Ser
            725   730   735

Gly Val Lys Val Thr Leu Lys Asp Glu Asn Gly Asn Ile Ile Ser Thr

Thr Thr Thr Asp Glu Asn Gly Lys Tyr Gln Phe Asp Asn Leu Asn Ser
        755   760   765

Gly Asn Tyr Ile Val His Phe Asp Lys Pro Ser Gly Met Thr Gln Thr
        770   775   780

Thr Thr Asp Ser Gly Asp Asp Asp Glu Gln Asp Ala Asp Gly Glu Glu
785   790   795   800

Val His Val Thr Ile Thr Asp His Asp Asp Phe Ser Ile Asp Asn Gly
                805   810   815

Tyr Tyr Asp Asp Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
        820   825   830

Asp Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
        835   840   845

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
    850   855   860

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Gly Leu Asp
865   870   875   880

Asn Ser Ser Asp Lys Asn Thr Lys Asp Lys Leu Pro Asp Thr Gly Ala
            885   890   895

Asn Glu Asp His Asp Ser Lys Gly Thr Leu Leu Gly Ala Leu Phe Ala
        900   905   910

Gly Leu Gly Ala Leu Leu Leu Gly Lys Arg Arg Lys Asn Arg Lys Asn
        915   920   925

Lys Asn
    930

<210> 11
<211> 15
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 11

```
Ile Ile Gln Met Lys Leu Val Lys Glu Ala Asp Thr Thr Phe Glu
1               5               10              15


<210>  12
<211>  8
<212>  PRT
<213>  Staphylococcus epidermidis

<400>  12

Lys Val Tyr Leu Val Gln Gln Ile
1               5


<210>  13
<211>  1464
<212>  DNA
<213>  Staphylococcus epidermidis

<220>
<221>  CDS
<222>  (1)..(1464)
<223>

<400>  13
atg aaa aag ttt aac att aaa cat tca ttt atg ctt acg ggc ttt gct        48
Met Lys Lys Phe Asn Ile Lys His Ser Phe Met Leu Thr Gly Phe Ala
1               5               10              15


ttc atg gta act aca tca tta ttc agt cac caa gca cat gct gaa ggt        96
Phe Met Val Thr Thr Ser Leu Phe Ser His Gln Ala His Ala Glu Gly
            20              25              30


aat cat cct att gac att aat ttt tct aaa gat caa att gat aga aat       144
Asn His Pro Ile Asp Ile Asn Phe Ser Lys Asp Gln Ile Asp Arg Asn
            35              40              45


aca gct aag agc aat att atc aat cga gtg aat gac act agt cgc aca       192
Thr Ala Lys Ser Asn Ile Ile Asn Arg Val Asn Asp Thr Ser Arg Thr
        50              55              60


gga att agt atg aat tcg gat aat gat tta gat aca gat atc gtt tca       240
Gly Ile Ser Met Asn Ser Asp Asn Asp Leu Asp Thr Asp Ile Val Ser
65              70              75              80


aat agt gac tca gaa aat gac aca tat tta gat agt gat tca gat tca       288
Asn Ser Asp Ser Glu Asn Asp Thr Tyr Leu Asp Ser Asp Ser Asp Ser
                85              90              95


gac agt gac tca gat tca gat agt gac tca gat tca gat agt gac tca       336
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
            100             105             110


gat tca gat agt gac tca gat tca gac agt gat tca gac tca gat agt       384
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
```

```
             115                    120                      125

gac tca gat tca gac agt gat tca gac tca gat agt gat tca gat tca     432
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
        130                    135                      140

gac agt gat tca gat tca gac agt gac tca gac tca gac agt gat tca     480
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
145                    150                      155                 160

gat tca gat agt gat tca gat tca gat agt gat tca gat tca gat agt     528
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
                   165                    170                  175

gat tca gat tca gac agt gac tca gac tca gac agt gat tca gat tca     576
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
            180                    185                    190

gat agt gat tca gac tca gat agt gac tca gat tca gat agt gat tca     624
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
        195                    200                    205

gac tct ggt aca agt tca ggt aag ggt tca cat acc gga aaa aaa cct     672
Asp Ser Gly Thr Ser Ser Gly Lys Gly Ser His Thr Gly Lys Lys Pro
        210                    215                    220

ggt aac cct aaa gga aat aca aat aga cct tct caa aga cat acg aat     720
Gly Asn Pro Lys Gly Asn Thr Asn Arg Pro Ser Gln Arg His Thr Asn
225                    230                    235                  240

caa ccc caa agg cct aaa tac aat caa aca aat caa aac aat ata aac     768
Gln Pro Gln Arg Pro Lys Tyr Asn Gln Thr Asn Gln Asn Asn Ile Asn
                   245                    250                  255

aat ata aac cat aat att aat cat aca cgt act agt gga gat ggt gcg     816
Asn Ile Asn His Asn Ile Asn His Thr Arg Thr Ser Gly Asp Gly Ala
            260                    265                    270

cct ttt aaa cgt caa caa aat att att aat tct aat tca ggt cat aga     864
Pro Phe Lys Arg Gln Gln Asn Ile Ile Asn Ser Asn Ser Gly His Arg
        275                    280                    285

aat caa aat aat ata aat caa ttt ata tgg aac aaa aat ggc ttt ttt     912
Asn Gln Asn Asn Ile Asn Gln Phe Ile Trp Asn Lys Asn Gly Phe Phe
        290                    295                    300

aaa tct caa aat aat acc gaa cat aga atg aat agt agc gat aat acc     960
Lys Ser Gln Asn Asn Thr Glu His Arg Met Asn Ser Ser Asp Asn Thr
305                    310                    315                  320

aat tca tta att agc aga ttc aga caa tta gcc acg ggt gct tat aag    1008
Asn Ser Leu Ile Ser Arg Phe Arg Gln Leu Ala Thr Gly Ala Tyr Lys
                   325                    330                  335

tac aat ccg ttt ttg att aat caa gta aaa aat ttg aat caa tta gat    1056
Tyr Asn Pro Phe Leu Ile Asn Gln Val Lys Asn Leu Asn Gln Leu Asp
        340                    345                    350
```

```
gga aag gtg aca gat agt gac att tat agc ttg ttt aga aag caa tca      1104
Gly Lys Val Thr Asp Ser Asp Ile Tyr Ser Leu Phe Arg Lys Gln Ser
        355                 360                 365

ttt aga gga aat gaa tat tta aat tca tta caa aaa ggg aca agc tat      1152
Phe Arg Gly Asn Glu Tyr Leu Asn Ser Leu Gln Lys Gly Thr Ser Tyr
        370                 375                 380

ttc aga ttt caa tat ttt aat cca ctt aat tct agt aaa tac tat gaa      1200
Phe Arg Phe Gln Tyr Phe Asn Pro Leu Asn Ser Ser Lys Tyr Tyr Glu
385                 390                 395                 400

aat tta gat gat cag gtt tta gct tta att aca gga gaa atc ggc tca      1248
Asn Leu Asp Asp Gln Val Leu Ala Leu Ile Thr Gly Glu Ile Gly Ser
                405                 410                 415

atg cca gaa ctt aaa aaa cct acg gat aaa gaa gat aaa aat cat agc      1296
Met Pro Glu Leu Lys Lys Pro Thr Asp Lys Glu Asp Lys Asn His Ser
                420                 425                 430

gcc ttc aaa aac cat agt gca gat gag ata aca aca aat aat gat gga      1344
Ala Phe Lys Asn His Ser Ala Asp Glu Ile Thr Thr Asn Asn Asp Gly
            435                 440                 445

cac tcc aaa gat tat gat aag aaa aag aaa ata cat cga agt ctt tta      1392
His Ser Lys Asp Tyr Asp Lys Lys Lys Lys Ile His Arg Ser Leu Leu
        450                 455                 460

tcg tta agt att gca ata att gga att ttt cta gga gtc act gga cta      1440
Ser Leu Ser Ile Ala Ile Ile Gly Ile Phe Leu Gly Val Thr Gly Leu
465                 470                 475                 480

tat atc ttt aga aga aaa aag taa                                      1464
Tyr Ile Phe Arg Arg Lys Lys
                485


<210>   14
<211>   487
<212>   PRT
<213>   Staphylococcus epidermidis

<400>   14

Met Lys Lys Phe Asn Ile Lys His Ser Phe Met Leu Thr Gly Phe Ala
1               5                   10                  15


Phe Met Val Thr Thr Ser Leu Phe Ser His Gln Ala His Ala Glu Gly
            20                  25                  30


Asn His Pro Ile Asp Ile Asn Phe Ser Lys Asp Gln Ile Asp Arg Asn
        35                  40                  45
```

Thr Ala Lys Ser Asn Ile Ile Asn Arg Val Asn Asp Thr Ser Arg Thr
    50   55   60

Gly Ile Ser Met Asn Ser Asp Asn Asp Leu Asp Thr Asp Ile Val Ser
65   70   75   80

Asn Ser Asp Ser Glu Asn Asp Thr Tyr Leu Asp Ser Asp Ser Asp Ser
            85   90   95

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
            100   105   110

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
            115   120   125

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
    130   135   140

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
145   150   155   160

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
            165   170   175

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
            180   185   190

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
        195   200   205

Asp Ser Gly Thr Ser Ser Gly Lys Gly Ser His Thr Gly Lys Lys Pro
    210   215   220

Gly Asn Pro Lys Gly Asn Thr Asn Arg Pro Ser Gln Arg His Thr Asn
225   230   235   240

Gln Pro Gln Arg Pro Lys Tyr Asn Gln Thr Asn Gln Asn Asn Ile Asn
            245   250   255

Asn Ile Asn His Asn Ile Asn His Thr Arg Thr Ser Gly Asp Gly Ala
            260   265   270

Pro Phe Lys Arg Gln Gln Asn Ile Ile Asn Ser Asn Ser Gly His Arg

Asn Gln Asn Asn Ile Asn Gln Phe Ile Trp Asn Lys Asn Gly Phe Phe
    290   295   300

Lys Ser Gln Asn Asn Thr Glu His Arg Met Asn Ser Ser Asp Asn Thr
305   310   315   320

Asn Ser Leu Ile Ser Arg Phe Arg Gln Leu Ala Thr Gly Ala Tyr Lys
                325   330   335

Tyr Asn Pro Phe Leu Ile Asn Gln Val Lys Asn Leu Asn Gln Leu Asp
            340   345   350

Gly Lys Val Thr Asp Ser Asp Ile Tyr Ser Leu Phe Arg Lys Gln Ser
        355   360   365

Phe Arg Gly Asn Glu Tyr Leu Asn Ser Leu Gln Lys Gly Thr Ser Tyr
    370   375   380

Phe Arg Phe Gln Tyr Phe Asn Pro Leu Asn Ser Ser Lys Tyr Tyr Glu
385   390   395   400

Asn Leu Asp Asp Gln Val Leu Ala Leu Ile Thr Gly Glu Ile Gly Ser
            405   410   415

Met Pro Glu Leu Lys Lys Pro Thr Asp Lys Glu Asp Lys Asn His Ser
        420   425   430

Ala Phe Lys Asn His Ser Ala Asp Glu Ile Thr Thr Asn Asn Asp Gly
        435   440   445

His Ser Lys Asp Tyr Asp Lys Lys Lys Ile His Arg Ser Leu Leu
    450   455   460

Ser Leu Ser Ile Ala Ile Ile Gly Ile Phe Leu Gly Val Thr Gly Leu
465   470   475   480

Tyr Ile Phe Arg Arg Lys Lys
            485

<210> 15
<211> 18

<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<220>
<221> misc_feature
<222> (12)..(12)
<223> n=(a or c or t or g)

<220>
<221> misc_feature
<222> (6)..(6)
<223> n=(a or c or t or g)

<400> 15
gaytcngayt cngayagy   18

<210> 16
<211> 9
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 16

Thr Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr Val Asp
1   5

<210> 17
<211> 5
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (3)..(3)
<223> Xaa can be any amino acid

<400> 17

Leu Pro Xaa Thr Gly
1   5

<210> 18
<211> 60
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 18

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Lys Asn
1   5   10   15

Ala Lys Asp Lys Leu Pro Asp Thr Gly Ala Asn Glu Asp His Asp Ser
            20   25   30

Lys Gly Thr Leu Leu Gly Thr Leu Phe Ala Gly Leu Gly Ala Leu Leu
     35   40   45

Leu Gly Arg Arg Arg Lys Lys Asp Asn Lys Glu Lys
   50   55   60

<210> 19
<211> 60
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 19

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Gly Leu Asp Asn Ser Ser Asp Lys Asn
1   5   10   15

Thr Lys Asp Lys Leu Pro Asp Thr Gly Ala Asn Glu Asp His Asp Ser
         20   25   30

Lys Gly Thr Leu Leu Gly Ala Leu Phe Ala Gly Leu Gly Ala Leu Leu
         35   40   45

Leu Gly Lys Arg Arg Lys Asn Arg Lys Asn Lys Asn
   50   55   60

<210> 20
<211> 60
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 20

Asp Lys Asn His Ser Ala Phe Lys Asn His Ser Ala Asp Glu Ile Thr
1   5   10   15

Thr Asn Asn Asp Gly His Ser Lys Asp Tyr Asp Lys Lys Lys Lys Ile
         20   25   30

His Arg Ser Leu Leu Ser Leu Ser Ile Ala Ile Ile Gly Ile Phe Leu
         35   40   45

Gly Val Thr Gly Leu Tyr Ile Phe Arg Arg Lys Lys
   50   55   60

```
<210>  21
<211>  18
<212>  DNA
<213>  Staphylococcus epidermidis

<400>  21
gatgatgaat tatcagac                                                18


<210>  22
<211>  19
<212>  DNA
<213>  Staphylococcus epidermidis


<400>  22
caggaggcaa gtcaccttg                                               19


<210>  23
<211>  27
<212>  DNA
<213>  Staphylococcus epidermidis

<400>  23
gccggatccc caattccaga ggattca                                      27


<210>  24
<211>  27
<212>  DNA
<213>  Staphylococcus epidermidis

<400>  24
gccaagctta ttgttagaac ctgactc                                      27


<210>  25
<211>  17
<212>  DNA
<213>  Staphylococcus epidermidis

<400>  25
gattcagata gccattc                                                 17


<210>  26
<211>  17
<212>  DNA
<213>  Staphylococcus epidermidis

<400>  26
ctgagtcact gtctgag                                                 17


<210>  27
<211>  28
```

<212>   DNA
<213>   Staphylococcus epidermidis

<400>   27
cccggatccg ctgaagacaa tcaattag   28

<210>   28
<211>   27
<212>   DNA
<213>   Staphylococcus epidermidis

<400>   28
cccaagctta attatccccc tgtgctg   27

<210>   29
<211>   31
<212>   DNA
<213>   Staphylococcus epidermidis

<400>   29
cccggatccg aggagaatac agtacaagac g   31

<210>   30
<211>   33
<212>   DNA
<213>   Staphylococcus epidermidis

<400>   30
cccggtacct agtttttcag gaggcaagtc acc   33

<210>   31
<211>   30
<212>   DNA
<213>   Staphylococcus epidermidis

<400>   31
cccggatccg aaggtaatca tcctattgac   30

<210>   32
<211>   37
<212>   DNA
<213>   Staphylococcus epidermidis

<400>   32
cccaagctta cttttttctt ctaaagatat atagtcc   37

<210>   33
<211>   30
<212>   DNA
<213>   Staphylococcus epidermidis

<400>   33
cccgaattca attatccccc tgtgctgttg   30

<210>   34
<211>   33

<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 34
cccgaattct agtttttcag gaggcaagtc acc   33

<210> 35
<211> 28
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 35
ggcggatccg aaggtaatca tcctattg   28

<210> 36
<211> 28
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 36
ggcaagcttc taaatatgtg tcattttc   28

<210> 37
<211> 4
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 37

Gly Gly Ala Gly
1

<210> 38
<211> 13
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 38

Asp Tyr Ser Glu Tyr Glu Asp Val Thr Asn Asp Asp Tyr
1   5   10

<210> 39
<211> 5
<212> PRT
<213> Staphylococcus aureus

<400> 39

Leu Pro Asp Thr Gly
1   5

<210> 40
<211> 10
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 40

```
Thr Tyr Thr Phe Thr Asp Asn Tyr Val Asp
1               5                   10
```